```
20
                          30
                                 40
      MSKGEELFTGVVPILVELDGDVNGHKF$VSGEGEGDATYGKLTLKFICTTGKLPVP..WPT SEQ ID NO:29
GPP
      MRSSKNVIKEFMRFKVRMEGTVNGHEFEIEGEGEGRPYEGNNTVKLKVTKGG. PLPFAWDI SEQ ID NO:30
DsRed
            MPAMKIECRISGTLNGVVFELVGGGEGIPEQGRMTNKMKSTKGA..LTFSPYL SEQ ID NO:02
ppluGFP1
            ppluGFP2
            LaesGFP
            --D--L--H----M--EE---I-A-D-NTDE-----I--,.PIS---- SEQ ID NO:08
pmeaGFP1
pmeaGFP2
            --D--L--H----M--EE---I-S-D-NTD-----N---I--..P-S----- SEQ ID NO:10
            pmedGFP1
            pmedGFP2
            pdaelGFP
                    RΩ
                           90
                                 100
CFP
       LVTTFSYGVQCFSRYPDHMKQHDFFKSAMPEGYVQERTIFFKDDGNYKTRAEVKFEGDT SEQ ID NO:29
       LSPQFQYGSKVYVKHPADIP...DYKKLSFPEGFKWERVMNFEDGGVVTVTQDSSLQDGC SEQ ID NO:30
Daked
ppluGFP1
       LSHVMGYGFYHFGTYPSGYEN.PFLHAANNGGYTNTRIEKYEDGGVLHVSFSYRYEAGR SEQ ID NO:02
       ppluGFP2
       ---I-----YA-F-A----.VY----K-----T-R----IIS-N-T----GNK SEQ ID NO:06
laesGFP
      ---IL---Y---A-F-A----.IY---MK----S-V-T-R-----IISIT-N----GNK SEQ ID NO:08
pmeaGFP1
       ---IL---Y---A-F-A----, IY---MK----S-V-T-R----IISIT-N----G$K SEQ ID NO:10
pmeaGFP2
       ----L---Y--YA-F-A----.VY---MK----$---T-R-----IISAT-N----GRQ SEQ ID NO:12
pmedGFPl
      ----L---Y--YA-F-A----.VY---MK----$---T-R-D---IISAT-N----GRQ SEQ ID NO:14
      pdaelGFP
                   140
                          150
                                 160
GFP
      LVNRIELKGIDFKEDGNILGAKLEYNYNSHNVYIMADKQKNGIKVNFKIRHNIEDGSVQL SEQ ID NO:29
      FIYKVKFIGVNFPSDGPVMQ.KKTMGWEASTERLYP. RDGVLKGEIHKALKLKDGGHYL SEQ ID NO:30
ppluGFP1 VIGDFKVVGTGFPEDS.VIFTDKIIRSNATVEHLHP.MGDNVLVGSFARTFSLRDGGYYS SEQ ID NO:02
ppluGFP2 ----- SEQ ID NO:04
laesGFP ----- S--AN-.----K--P-C--IY-.K---I--NAYT--WM----- SEQ ID NO:06
pmeaGFP1 I----- SEQ ID NO:08
PINEAGFP2 I ----- T--. L----- K--P-C-NMF- KA--I--NAYT--YL-K---- SEQ ID NO:10
pmedGFP1 IH------ SEQ ID NO:12
pdaelGFP I----- SEQ ID NO:16
                           210
                                  220
                                        230
      ADHYQQNTPIGDG PVLLPDNHYLSTQSALSKDPNEKRDHMVLLEFVTAAGITHGMDELYK SEQ ID NO:29
GFP
DaRed
      VEFKSIYMAKK...PVQLPGYYYVDSKLDITSHNEDYT.IVEQYERTEGRHHLFL
                                                 SEQ ID NO:30
ppluGFPl FVVDSHMHFKSAIHPSILQNGG$MFAFRRVEELHSNT..ELGIVEYQHAFKTPTAFA
                                                 SEQ ID NO:02
SEQ ID NO:04
laesGFP AQ-NN-L---T-M--TM-----TX-K----QS.,DV------V------
                                                 SEQ ID NO:06
pmeagffl AQ-NN-----TTM------TY-V---T-TQN...VA----NV-----
                                                 SEQ ID NO:08
pmeagfp2 AQ-NN-----TM-----TH-V---N-TK-..NVA----NV-----
                                                 SEQ ID NO:10
pmedGFP1 AQ-NN---LQ-----TM-K-----TY-K-----TQ-...-V------V--R----
                                                 SEQ ID NO:12
SEQ ID NO:14
                                                 SEQ ID NO:16
```

FIG. 1